

#4

		2661		2730
humPMS2	(2574)	CACTTCGAC	-----	
AtPMS2	(2267)	CTTACCTGATGACGACAATGTCAATGATGATGATGATGATGATGCAACCATCTCATGGC		
Consensus	(2661)	C TT CTCA A		
		2731		
humPMS2	(2587)	----		
AtPMS2	(2337)	ATGA		
Consensus	(2731)			

FIG. 1

09749601.060101

BEST AVAILABLE COPY

```

1
humPMS2 (1) --MERAE--SS--EPAKAK--P--DKSV--Q--SS--GV--V--SS--T--AV--KEL--VENS--LDAGAT--N--DLK--K--Q--V--L--IE--
AtPMS2 (1) MQGDSSP--PT--TSSPL--R--P--N--N--V--I--R--R--S--Q--V--I--D--S--V--KEL--VENS--LDAGAT--S--E--I--N--R--O--Y--E--Y--P--O--
Consensus (1) D A S ST A IKPI R IH ICSCQVIL LSSAVKELVENS LDAGAT IDI LKDYG D V

71
humPMS2 (69) S--N--G--C--C--V--E--E--E--N--G--T--P--C--H--S--I--Q--E--A--D--T--Q--V--E--F--F--R--G--E--A--L--S--S--L--C--A--L--S--D--V--I--S--C--H--A--
AtPMS2 (71) I--N--G--C--C--I--S--P--T--N--K--V--C--V--Q--I--L--R--R--T--F--D--V--A--K--C--H--S--I--Q--E--A--D--T--Q--V--E--F--F--R--G--E--A--L--S--S--L--C--A--L--S--D--V--I--S--C--H--A--
Consensus (71) D N G C G I NF D L L K H T S K I D F D L N L T P G F R G E A L S S L C A L L T I T

141
humPMS2 (128) S--A--K--C--R--E--M--E--D--N--K--I--I--Q--K--T--P--Y--P--P--R--O--T--T--S--Q--O--D--E--S--T--E--V--E--K--E--F--O--S--N--I--K--E--K--E--A--R--M--Q--V--H--E--P--C--I--S--A--E--
AtPMS2 (141) N--E--P--A--L--L--T--E--D--S--E--L--L--T--A--E--K--K--T--A--Q--I--G--T--T--R--K--E--S--N--E--V--S--K--E--K--E--N--T--R--E--K--E--S--L--S--L--N--Y--A--L--A--K--E--
Consensus (141) V A T L F D H G I R G T T V S V L F S L P V R K E F R N I K E Y A K L V L L A Y I I A G

211
humPMS2 (198) I--F--V--S--T--I--Q--L--Q--G--K--R--Q--P--V--C--C--S--P--I--R--E--N--G--S--V--G--Q--K--Q--L--Q--S--I--F--V--Q--L--P--P--S--D--S--V--C--E--Y--G--L--S--C--S--D--A--L--H--N--L--F--
AtPMS2 (211) V--E--F--V--S--T--I--T--K--N--P--K--S--V--L--N--Q--S--R--G--E--L--D--I--T--V--E--G--I--S--T--F--I--S--Q--E--
Consensus (211) I R C S N G K V L T G S I K D N I S V F G S L P

281
humPMS2 (268) Y--I--S--F--I--S--Q--T--H--G--V--E--S--S--T--D--R--Q--F--F--F--I--N--R--P--C--P--A--K--C--R--E--M--E--D--N--H--M--Y--N--R--H--Q--E--F--V--V--E--N--I--S--D--S--E--C--V--I--N--V--E--
AtPMS2 (255) ---T--E--N--L--A--D--R--Q--Y--P--E--G--V--E--M--P--K--S--K--E--N--L--K--D--T--S--S--R--K--E--V--T--I--D--F--I--S--P--G--G--A--C--L--A--V--E--
Consensus (281) G GR D R Q F F F I N R P D K V K L V N E L Y Y P I L V D I N V T

351
humPMS2 (338) P--D--K--R--I--L--L--Q--E--K--L--L--L--A--V--L--K--T--S--L--I--G--M--F--D--S--V--N--K--L--N--V--S--Q--P--L--L--D--V--E--G--N--L--I--K--H--A--A--D--L--E--K--P--M--V--E--K--Q--D--S--P--S--L--R--
AtPMS2 (314) P--D--K--R--K--V--F--F--S--D--E--T--S--V--
Consensus (351) P D K R I D E

421
humPMS2 (408) T--G--E--E--K--K--D--V--S--R--E--A--F--S--L--R--H--T--T--E--K--P--H--S--P--K--T--P--P--R--R--S--P--L--G--Q--K--R--G--M--L--S--S--T--E--G--A--I--S--D--K--G--V--R--P--Q--E--A--V--S--S--
AtPMS2 (328) ---G--S--E--G--L--N--E--I--Y--S--S--S--A--S--Y--I--V--N--R--F--E--N--S--E--Q--P--D--K--A--G--V--S--S--F--Q--K--E--N--L--I--E--G--I--D--V--S--S--K--T--R--L--G--
Consensus (421) I L R E A H S S N H E S I S D V L

491
humPMS2 (478) S--H--G--P--S--D--P--T--D--R--A--V--E--K--S--G--H--G--S--T--S--V--D--S--E--G--F--S--I--P--D--T--G--S--H--C--S--E--Y--A--A--S--S--P--C--R--G--S--Q--E--H--V--D--S--Q--E--K--A--P--E--T--D--S--F--S--
AtPMS2 (389) E--A--I--E--K--E--N--P--S--L--R--E--V--E--I--E--N--S--S--P--M--E--K--F--K--F--I--K--A--C--G--T--K--K--G--E--G--L--S--V--H--D--V--T--H--L--K--T--P--S--K--G--L--P--Q--L--N--V--T--E--K--V--I--A--S--K--
Consensus (491) D E V E D E A S S D K L D A

561
humPMS2 (548) V--D--C--H--E--N--Q--E--D--T--G--C--K--R--V--L--P--Q--P--N--L--A--T--P--N--T--R--F--K--E--E--T--S--S--D--I--C--Q--K--L--V--N--T--Q--D--M--S--A--Q--V--D--A--V--K--I--N--K--K--V--P--
AtPMS2 (459) L--S--S--R--S--S--A--Q--S--T--L--A--F--V--T--M--G--K--R--H--E--N--I--S--T--E--S--E--T--P--V--L--R--N--Q--T--S--S--Y--R--V--E--K--F--E--R--A--L--A--S--C--L--E--
Consensus (561) D L S F T L K I L S S I S M S D V K L V

631
humPMS2 (618) L--F--S--M--S--L--A--K--R--I--K--Q--L--H--E--A--Q--Q--S--E--E--Q--N--Y--R--K--F--K--I--C--P--G--E--N--Q--A--E--D--L--R--K--E--I--S--K--T--M--F--A--E--M--E--I--I--G--Q--N--L--G--F--I--
AtPMS2 (522) G--Q--L--D--M--V--I--S--K--E--D--M--T--P--S--R--D--S--E--L--N--R--I--S--P--G--T--S--D--N--V--E--R--H--E--R--V--L--G--Q--N--L--G--F--I--
Consensus (631) D L K E G A M I I G Q N L G F I

701
humPMS2 (688) I--T--K--N--E--I--F--I--V--D--Q--H--A--D--E--K--F--N--F--E--L--T--V--L--N--Q--L--I--P--L--L--S--E--L--I--L--D--I--R--N--G--F--
AtPMS2 (573) A--K--E--R--Q--L--F--I--V--D--Q--H--A--D--E--K--F--N--F--E--L--T--V--L--N--Q--L--I--P--L--L--S--E--L--I--L--D--I--R--N--G--F--
Consensus (701) I K L D I F I V D Q H A D E K F N F E L T V L N Q L I P L L S E L I L D I R N G F

771
humPMS2 (758) M--E--V--T--E--R--A--K--I--S--L--T--S--N--W--E--G--P--Q--V--D--E--F--M--S--S--P--V--M--C--R--P--S--R--K--Q--P--S--P--A--C--K--
AtPMS2 (643) S--E--P--G--K--H--F--R--A--I--S--Y--S--I--F--G--V--E--L--K--D--S--T--G--E--N--H--E--C--S--V--A--S--S--Y--K--T--S--K--T--D--S--I--G--P--S--R--R--A--L--A--S--P--A--C--K--
Consensus (771) A P K L A I P S K N T P G D L D L I L D G P S R V K M A S R A C R

841
humPMS2 (815) S--V--M--I--G--T--A--N--T--S--E--K--L--I--T--M--G--E--M--D--H--P--W--N--C--P--H--R--P--T--M--R--H--I--A--N--G--V--I--S--Q--N--
AtPMS2 (713) S--V--M--I--G--P--R--K--N--E--Q--I--V--E--L--A--D--L--D--S--E--N--T--H--G--E--F--R--A--L--V--D--I--T--L--L--T--L--P--D--D--D--V--N--D--D--D--D--D--A--T--I--S--L--A--
Consensus (841) S V M I G L E M K I I H L A D L D P W N C P H R P T M R H I L I

```

BEST AVAILABLE COPY

FIG. 2

humPMS2	(1)	-----KRAESS-----EPAKAKPIDRKS-----HSCSSQVLSLSTAVKELVENSLEAGATNDDL	70
AtMLH1	(1)	MIDSSSLTARYEEESPATIVPREPPKQRLSESVNRAAEFIQRPVSAVKELVENSLEDDSSSSSV	
Consensus	(1)	ME ES AT I ID V I AG VI SAVKELVENSLEDA AS I L	
humPMS2	(57)	KLKGYVDLKEVSENGCQVEEENFEGTLKHHSEHQEADTQVETFFERGEASSELCA LSDV I S CH	140
AtMLH1	(71)	VVEGGLKCHQVSDDEHGIIRREDLPICERETTESLTKEEDEFSLSSMFRGEAASMTYVAHVTIT	
Consensus	(71)	LKD GL LI VSD G GI E L KH TSKI F DL L S GFRGEALASL LA VTIST	
humPMS2	(127)	ASAKVETLMFDHNGKIIQKTPYPRPRGTVSQQESTLPVHEEFRIKKEDAMQVHAYCHISA	210
AtMLH1	(141)	KGQIHETVSYRDGVMEHEPKACAAVKQOIMENSYNMIASRTILASADDCGIDOLSRMACHYN	
Consensus	(141)	G RL F KGT I V NLF L R R Q N DYAKIV LL I	
humPMS2	(197)	GIRVSTNQLGQKRPQVCTGGSSSIKENGGVFSQKQLQSIPFVQLPPSDSVCEYGLSCSALHNL	280
AtMLH1	(210)	NVSFSRKH---PAVKADHSVSVSPRLDSRSEYVSVAKNM---KV---E---VSSCSGCT	
Consensus	(211)	I SC G V S SPS D I SVFG LI L LS DA	
humPMS2	(267)	EYISGFFQCTHGVRGRSTDROFFFAINRPPCDPAKVCILVNEFIMYNRHQYFFVLNLSVDSECVIN	350
AtMLH1	(264)	EDMEGFFSNSNYVAKKTIL---VLSTDELVECSALKAEIETAAATLPKASKETVMSNLPREHVDIN	
Consensus	(281)	F I GFISN H KS FIN R D A L R I VY K PFV L I L EVDIN	
humPMS2	(336)	VTDPRQIILQEEKLLAVLKTSLIGMFDSDVNKLNVQQPLLDEGNLISMAHOLEKPMVEKODQSPS	420
AtMLH1	(331)	IHTKEVSLNQEIIIIEMIQ-----SEVE-----VLRNNDTRTFQOKVEYIQ	
Consensus	(351)	I P KK I L III MI S IKL A K E	
humPMS2	(406)	LRTGEEKVSIIRLREAFSLRHTENKHSHPKTPEPRRSLEQKRGMSSTSGAISDKGVLPQKEAF	490
AtMLH1	(377)	STLTSSSSSPVQKPSG---QKQKQVKNMVRTDSSDAARLHAFQPKPQSLPDKVSSSVWRSS	
Consensus	(421)	K D IS A T P P G A L L K AV	
humPMS2	(476)	SSSHGSDPTDRAETEKDSGHGSTSVDSSEGFSPDTGSHCSSEYAASPGDRSCSHHDSQEKAPETES	560
AtMLH1	(443)	RQRRNEKETACLSSQEE-----LIA--G-----VDCCHFMLETNRNCTYVGMADIV	
Consensus	(491)	P D D A V I S G E V DD	
humPMS2	(546)	ESDMDCHSNQEDGCKFRVLPQPTNLATPNTDRFKKEEISSSDICQKLVNTQDMSAQVDVAVKINKKV	630
AtMLH1	(489)	EALQYN---HLYLAN---VVNLSELMYQQTERRFAHFNAIQLSDPAPISLILLALKEEDL	
Consensus	(561)	FA V T SK L N I S S L L L	
humPMS2	(616)	VLDFSMSSSAKSKQLHHQAQSEGSQNYRKRAKCPGENAAEDELKKEISKTFEAMEIIGQFNLG	700
AtMLH1	(547)	DGNDTKDDAKERAEEMNTLLKEKAMLEEYSVHEDSSAALSRLPVILDQYTPDRVFEPL--LQCG	
Consensus	(631)	P S L RI L E AE F I N A I S M E I LG	
humPMS2	(686)	FIITKLNDIFIVDQHTDEKYNFEMLQOHTVLCQRLIAPQTINLTAVNEAVIELEIFRKNGFVFI	770
AtMLH1	(615)	NDVEWEDKSCFQGVSAIGNFYAMHPPLPNPSDGIQFYSKRGESSQEKSDIEGVDMEDNLDQILLS	
Consensus	(701)	I E A F G I SA A L NLDI DL	
humPMS2	(756)	ENAPVTEAKLISLPTSKNITFGPDVDELI FMSDSPGVMCPRSPRQMFASRACRKSVMIGTALNTS	840
AtMLH1	(685)	EAENAWAC-----EESIQHVLFPSMRLFKPPASMASNGTFEIVASLEKLYKIFERC-----	
Consensus	(771)	D R WS L L M S VK K K	
humPMS2	(826)	EMKKLITHMGEMDHPWNCPHGRPTMRHIANLGVISON	877
AtMLH1	(738)	-----	
Consensus	(841)	-----	

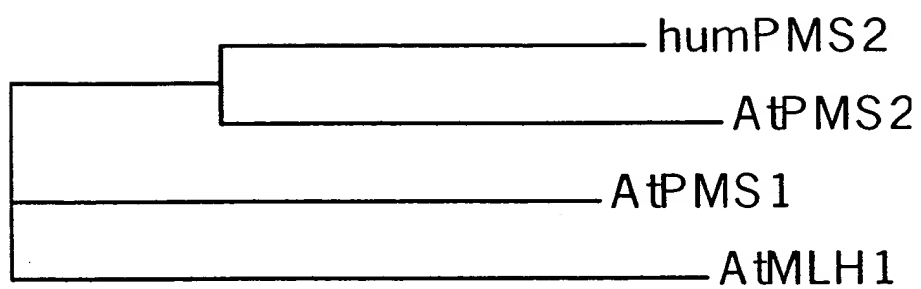
BEST AVAILABLE COPY

FIG. 3

humPMS2	(1)	1	70
AtPMS1	(1)	-----MTEKALPEGVRSMSRSLIMFDMARVDEELAFNSLDAGATKVSIFGVVSCS-VKIV	
Consensus	(1)	K IKPI H I SG IM LA V ELV NSLDAGAT I I L I V D	
humPMS2	(71)	71	140
AtPMS1	(59)	-----NCCVVEENFECS TLKHHSHIQFADL-QVE-FCFGEALSSLCALSDVTIS CHASAKVETSLMFDH	
Consensus	(71)	G GV D L KH TSK DF LT ETFGFGEALASI IS L I T G R M	
humPMS2	(140)	141	210
AtPMS1	(129)	-----NGKIIQKTPYP-PP-RSTNSQQLSTLSEHHEFERNISREYAKMVQVLHAYCTISAGI-----	
Consensus	(141)	I R GTTVSV LF S PVR K Q KK I L II A I	
humPMS2	(199)	211	280
AtPMS1	(199)	-----RPSCTNOLGQGRQPVVCTGSPSIEKIIISV	
Consensus	(211)	VS K TG I N G I	
humPMS2	(231)	281	350
AtPMS1	(269)	-----GQKQLQSLIPVQLPESDSVCEYGCSCDALHNFYIISFISQCTHEVGRSSTLRQF	
Consensus	(281)	F S I P P A E LA L G G D	
humPMS2	(290)	351	420
AtPMS1	(339)	-----FFIIR-----RPCDEAVVCLRVNEVYHMYNRHQYFVVLNISVSECVDINPTDKRQIL	
Consensus	(351)	N DPAK H FP D V I L	
humPMS2	(346)	421	490
AtPMS1	(409)	-----QEEKLLAVLKTSLIGMFDSDVNKLNVSCPLLEVEGNLIKHAADLEKPMVEEDQSPSLRGEKKDV	
Consensus	(421)	DS LN I Q D L A L KQ S T	
humPMS2	(416)	491	560
AtPMS1	(479)	-----SISRLEAFS-----RRTTENKPHSKCTEPRRPLGQ	
Consensus	(491)	K D L H P P K S	
humPMS2	(450)	561	630
AtPMS1	(549)	-----KRGMLSSITSGAISGVLRPQKEAVSSSHG--SDPTAEAEKDSGHGSSVSEGSIFITGSHCSS	
Consensus	(561)	S SDK A S P SDRV T IDS F D	
humPMS2	(518)	631	700
AtPMS1	(619)	-----EYAASSPDRGSGQEHVLSQ-----KAEETDDSFSDVDCHSNQEDTGCKFVRLCTNLATPNTKRFKKE	
Consensus	(631)	AA G S S E P SD D K LP P S	
humPMS2	(583)	701	770
AtPMS1	(689)	-----IILSSSIQOKLVNTQMSASQVDVSVKNEK---VVPLDFSMSSLAIRIKQLHHEAQSESEENYRKF	
Consensus	(701)	EII D C S LA KI K L SI K QN G Q KK	
humPMS2	(649)	771	840
AtPMS1	(759)	-----PAKICPGENQ-----	
Consensus	(771)	RA	
humPMS2	(659)	841	910
AtPMS1	(829)	-----SASDLKASAGCRTVHSETQDEDVHEDFSSEEFDPKSTTKWRHNCAVSQVPKESHELHGQDGVFDISSG	
Consensus	(841)		
humPMS2	(659)	911	980
AtPMS1	(899)	-----AASDELKKE SKIMFAEMEIIIGFNLGHITKLNEDIFVDCGHTDEKYNFEMQOHTVLQQRRL	
Consensus	(911)	A E L I K D II Q FI I IVDQHA DEK E L I A I	
humPMS2	(724)	981	1050
AtPMS1	(969)	-----IAPQTLNITAVNEAVIENLIIFKNGFDFVDENAPVTERAK-----ISLSTSKNWTGPGQ	
Consensus	(981)	L M LL E R GF I A S K L ALP	
humPMS2	(782)	1051	1120
AtPMS1	(1039)	-----VDELIFMSSSPVMCRESRKQMFARCEKSVNITANTSEMKKLITHMGEMDHPWNPEGRFMR	
Consensus	(1051)	DL E I LADS G P V M SKACR AIM G AL SE II L FNC HGRPT	
humPMS2	(852)	1121	1164
AtPMS1	(1109)	-----HIANGVISON-----	
Consensus	(1121)	I L I N	

FIG. 4

BEST AVAILABLE COPY



**FIG. 5**

```

1
humPMS134 (1) ATGCGGAGCGGAGAGCTGGAGACAGAACTGGTAAGGC-----ATCGACCTATGTCGGGAGT
AtPMS134 (1) ATGCGAGGAGATCTTTCTCGCTCGGACGAGAACTGGCTTCCTTTGATAGACCTAAACAGAACCG
Consensus (1) ATG A GAG T CG T C CT CTA C AT A ACCTAT A G AA
71
humPMS134 (65) CAGCCATCAGATTGCTCTGGCGGTGGACGAGTCTAAGCACTGGGTAAAGGAGTTAATAGAAAT
AtPMS134 (71) TGAATTCAGAAATCTCTTCGGTCAATCACTAGACCTCTCTTGGGCTCAGGAGCTTCTCGAGAT
Consensus (71) A T CA AT TG TC GG CA GT T T CT C GC GT AAGGAG T GT GA AA
141
humPMS134 (135) CAGTTCGATGGTGGTCCCACTAATATGATCTAAAGCTTAAGGACTTTCAATGCTCTTAAATGAGTT
AtPMS134 (141) TAGTTCGACGGCCGGCCCACTAATATGATCTAAAGCTTAAGGACTTTCAATGCTCTTAAATGAGTT
Consensus (141) AGTCT GA GC GG GCCAC A TAT GA T AA CT GACTA GG G GA T TT A GT
211
humPMS134 (205) TCAGTCAATGCAATGTGGG-----GAAGAA-----AAATTCGAAGGCTTAA
AtPMS134 (211) ATTGCAATGCTGTGGCAATTCGCCCAACCAATTTCTAGTTTGTGTCCAAATTCGGAAGAACTTTTG
Consensus (211) GACAATGG TGTGG T A AAG AA CT CGAAG CTT
281
humPMS134 (251) -----CTTGGACATCAACATCTAAGATTCAGGTTGGCCCTAACTCGGTTGAA-ACCT
AtPMS134 (281) ATGTTCTTCACCTTACGCACTCTAGTCTCTAATATAGCGGTTTCAAGATTTT-CAATTTGGCTACTT
Consensus (281) C CT AA CATCA AC TCTAA T A GA TT C GA CT T A TTGA ACTT
351
humPMS134 (311) TTGGCTTCGGGGGAATGCTCTGAGCTCACCTTGTGCTCTCAACGATGTCACTCAATTCAGCTC--CC
AtPMS134 (350) ATGGTTTACAGGAGAGGCTCTGAGCTCTCCTGTGCTCTCAACGATGTCACTCAATTCAGCTC--CC
Consensus (351) TGG TTT G GG GAAGC TGAGCTC CT TGTGCA TG G AT TCAC T AC G C A
421
humPMS134 (379) GATCCGCGAGCTTGAACT---
AtPMS134 (420) GATGAGGCT---GTTGCTCGCTC
Consensus (421) G AT GC A GTT G AC

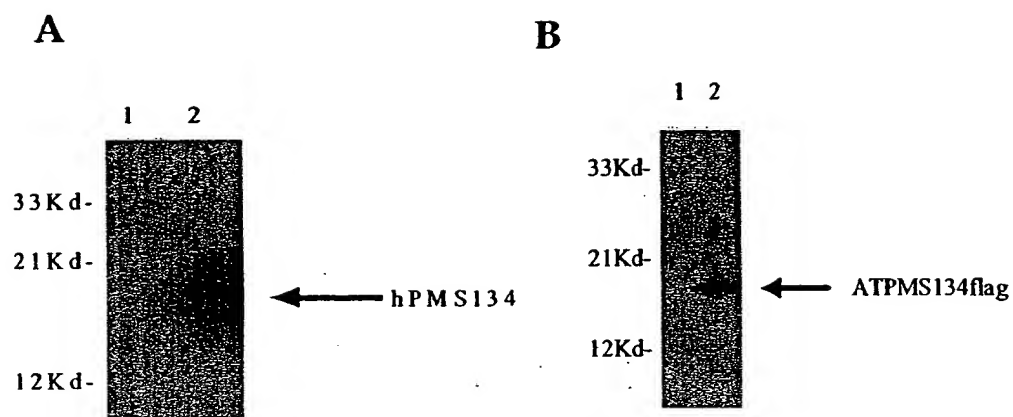
```

FIG. 6

BEST AVAILABLE COPY

BEST





**FIG. 8**



Dominant Negative Effects of *Arabidopsis thaliana* PMS2 homolog

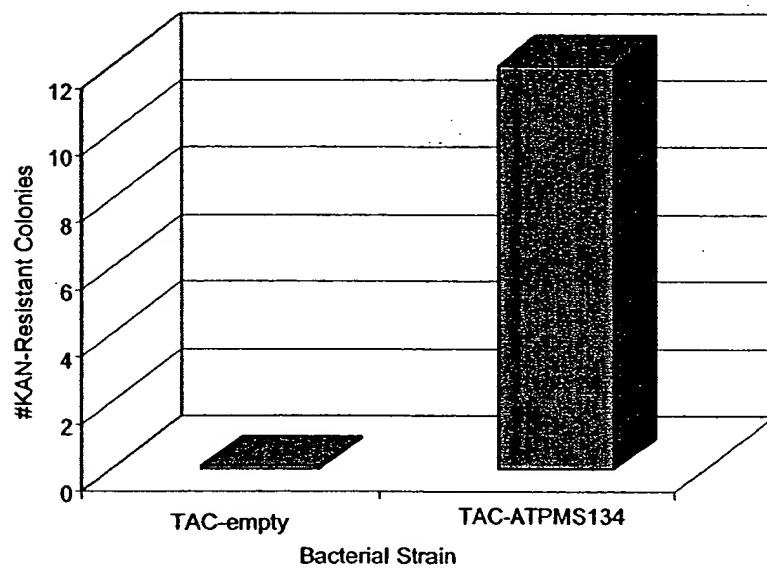


FIG. 9



FIG. 10

09749601.050301

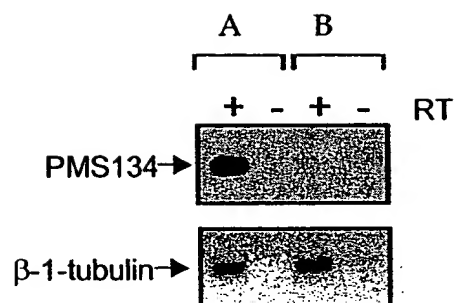


FIG. 11

A= PMS134 expressing plants  
B= pBI-121 control plants

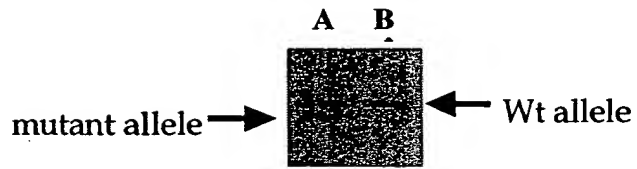
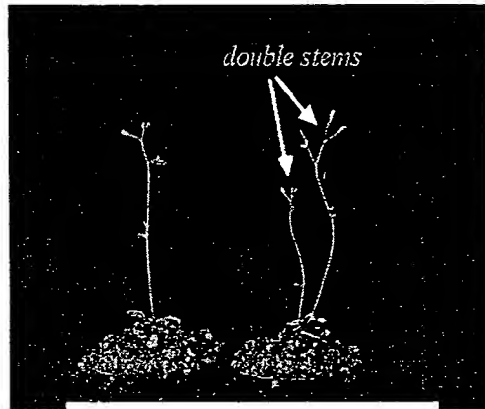


FIG. 12

09749601.060101



Normal MMR-

**FIG. 13**